

競争型共進化における適応度景観の特徴量推定

Estimation of Fitness Landscapes of Competitive Co-Evolution

摂南大学 半田 佑太, 片田 喜章

Y. Handa and Y. Katada

Setsunan University

Abstract A number of researchers in the field of evolutionary computation have been trying to improve the performance of artificial evolution on traditional problems by incorporating redundancy in genotype to phenotype mappings in recent years. However, it is still not clear what kind of redundant mapping is useful for what class of problems. In this work, we conducted a series of computer simulations with GAs with redundant mappings from genotype to phenotype in order to investigate what kind of redundant mapping is useful for rugged fitness landscapes.

1 はじめに

競争型共進化において、種が存続するためには進化し続ける必要があり進化をやめるとその種は絶滅する「赤の女王仮説」が提唱されている [1]。ここでは、ある種の利益は対立する種の損失となり、その種が利益を得るため対抗戦略を講じることを互いに繰り返す軍拡競争として現れる。この軍拡競争により、競争型共進化では適応度景観が絶え間なく変化し、永続的進化を導くと考えられる。Hillis は、競争型共進化が人工進化において有効に働くことを示した [2]。また、Floreano らは、競争型共進化によって得られる各世代での最良個体を互いに比較し、その適応度から「赤の女王仮説」について検証している [3]。そこで本研究では、我々の研究グループで提案している適応度景観の推定法 [4] を用いて、計算機実験において競争関係にある 2 つの個体集団における適応度景観の特徴量を推定しその変遷を調べ、「赤の女王仮説」を検証する。

2 適応度景観の特徴量推定

適応度景観の特徴量には ruggedness と neutrality があることが知られている [5]。本稿では、エージェントのコントローラに次節で述べる進化型 ANN を用いるため、その適応度景観にこの 2 つの特徴量が含まれると考えられる。これらを推定する方法について次に述べる。

2.1 ruggedness の推定

実問題における ruggedness は適応度景観の相関に基づいて推定される。そこで ruggedness の指標として、その傾きが適応度景観の相関を表す Smith の E_b [5] を用いる。適応度 k の親個体から生まれる子個体の平均適応度を表す E_b は次のように定義される： $E_b(k) = \sum_{g \in G(k)} V(g) / |G(k)|$ 。ここで、 $G(k)$ は適応度 K の親から生まれる子の遺伝子型集合、 g は子の遺伝子型、 $V(g)$ は子の適応度である。ruggedness の大きさは E_b の傾き

(\dot{E}_b) で表される。ruggedness が最も小さいとき $\dot{E}_b \simeq 1.0$ に、ruggedness が最も大きいとき $\dot{E}_b \simeq 0.0$ になる [5]。

2.2 neutrality の推定

neutrality の推定 [4] に用いる、根井の標準遺伝距離 [6] は以下のように定義される。集団 X における第 i 番目の遺伝子座の対立遺伝子 k の頻度を $x_{ik} = n_{ik}/M$ ($i = 1, \dots, L$, L : 遺伝子長, M : 個体数, n_{ik} : 集団内の対立遺伝子 $k \in \{0, 1\}$ の数) とする。同様に集団 Y における y_{ik} を考え、 $j_{xi} = x_{i0}^2 + x_{i1}^2$, $j_{yi} = y_{i0}^2 + y_{i1}^2$, $j_{xyi} = x_{i0}y_{i0} + x_{i1}y_{i1}$ とする。ここで、 j_{xi} は集団 X から任意に選んだ 2 個体における第 i 番目の遺伝子座の対立遺伝子が等しい確率であり、 j_{yi} は集団 Y のそれである。 j_{xyi} は集団 X と Y のそれぞれから任意に 1 個体ずつ選んだ 2 個体における第 i 番目の遺伝子座の対立遺伝子が等しい確率である。これらは各遺伝子座に対し定義されるので、全遺伝子座の平均は、 $J_X = \sum_{i=1}^L j_{xi}/L$, $J_Y = \sum_{i=1}^L j_{yi}/L$, $J_{XY} = \sum_{i=1}^L j_{xyi}/L$ となる。このとき、根井の標準遺伝距離は次のように与えられる： $D = -\log_e \{(J_{XY}) / (\sqrt{J_X} \sqrt{J_Y})\}$ 。さらに、集団 X と Y について、 t 世代での個体集団と $t+1$ 世代での個体集団を用いる。そして、世代間の遺伝距離 $D_{t,t+1}$ を求め、 T 世代までの総和を GA における遺伝距離として以下のように拡張する： $D(T) = \sum_{t=1}^{T-1} D_{t,t+1}$ 。この遺伝距離には neutrality が大きいほど増加し、ruggedness が大きいほど減少するという特性がある [4]。このことを利用し、各世代における遺伝距離の変化率 α を求め、 \dot{E}_b とあわせて、neutrality の推定を行う。

3 計算機実験

3.1 実験設定

図 1 に環境の概略を示す。競争関係にある集団として捕食集団 (Pr) と被食集団 (Py) を仮定する。エージェントは壁用と他エージェント用の 2 種類の距離センサをも

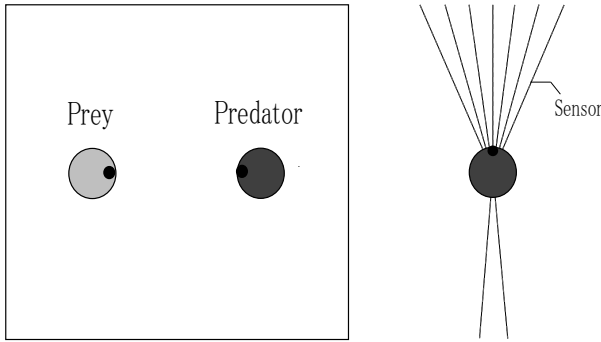


図 1: 実験環境

ち,それぞれ図1のように搭載する.エージェントの制御器として,中間層・出力層が相互結合されたANNを用いる.入力ノード数は $N_s = 18$ (センサ数),出力ノード数は $N_o = 2$ (左右モータの周速度),中間ノード数は $N_h = 3$ とする.図1の初期位置から,エージェントの初期姿勢をそれぞれ 90° ずつ変えた試行を16回行い,次の適応度関数を用いてそれぞれの適応度を計算する: $F_{pr} = \sum_{i=1}^{Trials} (1 - Step_i/MaxStep)/Trials$, $F_{py} = \sum_{i=1}^{Trials} (Step_i/MaxStep)/Trials$.ここで, $Trials$ は試行回数(16)であり, $MaxStep$ は400とする.進化手法としてSGAを用いる.ANNの結合荷重を変数とし,10ビット・バイナリコーディングを行う.遺伝子長は $L = 1150$ となる.遺伝的操作として点突然変異を用い,突然変異率は $q = 1/L$ とする.選択法としてトーナメント選択を用い,トーナメントサイズは2とする.競争する相手個体の選択方法は,同世代の対立集団の中からランダムに1個体選出する.両集団ともに個体数を50,世代数を5000とし,独立に10試行行う.

3.2 実験結果と考察

図2に世代に対する最大適応度の推移(10試行中の典型例)を示す.Pyの適応度の振動が激しく,Prが常に高い適応度を示している.本実験設定では,エージェントの形態に差がなく,適応度のみが異なるため,Prが有利になると考えられる.図3に各世代における (\dot{E}_b, α) の推移(10試行中の典型例)を示す.軍拡競争により,適応度景観が推移し続けるという予想に反して, (\dot{E}_b, α) の値の変化は両集団ともに約1000世代で収束している.これはPrが常に高い適応度を持つことが影響していると考えられる.次に1000世代を詳しく観察すると, \dot{E}_b の値が大きく変化している.また,両集団の (\dot{E}_b, α) が世代に対して同期した推移を示しており,これが競争型共進化の特徴である可能性が考えられる.

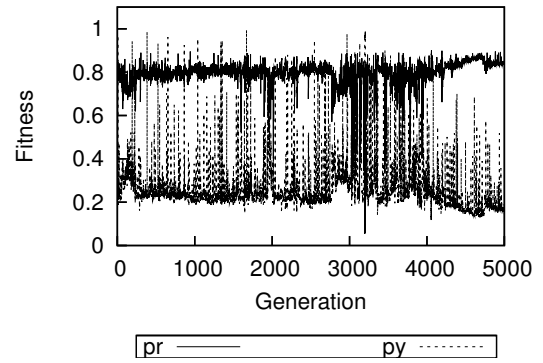


図 2: 世代に対する最大適応度の推移

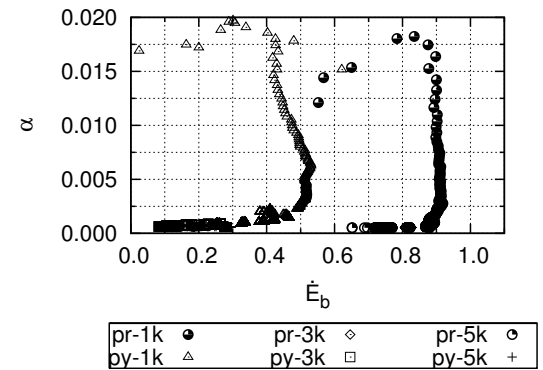


図 3: 各世代に対する (\dot{E}_b, α) の推移

4 おわりに

本稿では,競争関係にある2つの個体集団における適応度景観の特徴量を推定しその変遷を調べ「赤の女王仮説」の検証を試みた.今後,対立するエージェント間の形態に差を与え,その適応度景観を調べることにより,本稿の結果と比較および検証する予定である.

参考文献

- [1] マッド・リドレー: 赤の女王; 翔泳社, (1995)
- [2] W.D. Hillis: Co-Evolving Parasites Improve Simulated Evolution as an Optimization Procedure; Artificial Life II, Addison Wesley, pp. 313-323 (1991)
- [3] D. Floreano and S. Nolfi: God Save the Red Queen! Competition in Co-Evolutionary Robotics; In proceedings of the 2nd International Conference on Genetic Programming, Stanford University, (1997)
- [4] 片田, 大倉: 根井の標準遺伝距離を用いた適応度景観に含まれる neutrality の推定-進化ロボティクスへの適用; システム制御情報学会論文誌, Vol. 18, No. 8, pp. 284-291 (2005)
- [5] T. Smith, P. Husbands, P. Layzell and M. O'Shea: Fitness landscape and evolvability; Evolutionary Computation, Vol. 11, No. 4, pp. 381-415 (2003)
- [6] 根井正利: 分子進化遺伝学; 培風館, (1990)